植 物 分 类 与 资 源 学 报 2013, **35** (3): 361~366
Plant Diversity and Resources DOI: 10.7677/ynzwyj201313034

青藏高原八种菊科植物染色体核型报道*

孟 盈[1,2,3], 杨永平[1,2,3**]
(1 中国科学院昆明植物研究所生物多样性与生物地理学重点实验室, 云南 昆明 650201; 2 中国科学院昆明植物研究所西南野生生物种质资源库, 云南 昆明 650201; 3 中国科学院青藏高原研究所昆明部, 云南 昆明 650201)

摘要: 对产自青藏高原的 8 种菊科植物进行染色体核型分析, 其中 6 种为首次报道。其核型公式和不对称性如下: 葵花大蓟 *Cirsium souliei* $2n=34$m, 1A; 绵刺头菊 *Cousinia thomsonii* $2n=26=22$m$+4$sm, 2A; 小还阳参 *Crepis minuta* $2n=14=10$m$+4$sm, 2A; 缘毛橐吾 *Ligularia liatroides* $2n=60=32$m$+28$sm, 2A; 肉叶雪兔子 *Saussurea thomsonii* $2n=36=22$m$+14$sm, 2A; 西藏蒲公英 *Taraxacum tibetanum* $2n=16=10$m$+6$sm, 1A; 其余 2 种的染色体数目及核型与前人的报道一致。

关键词: 染色体; 核型; 菊科; 青藏高原
中图分类号: Q 943 **文献标识码**: A **文章编号**: 2095-0845(2013)03-361-06

Chromosome Atlas of Eight Asteraceae Species from the Qinghai-Tibet Plateau

MENG Ying[1,2,3], YANG Yong-Ping[1,2,3**]
(1 *Key Laboratory of Biodiversity and Biogeography*, *Kunming Institute of Botany*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650201, China; 2 *Plant Germplasm and Genomics Center*, *China Germplasm Bank of Wild Species*, *Kunming Institute of Botany*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650201, China; 3 *Institute of Tibetan Plateau Research at Kunming*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650201, China)

Abstract: The chromosomes of eight species of the family Asteraceae from the Qinghai-Tibet Plateau were investigated. Chromosome numbers and karyotypes of six species were presented in this paper for the first time. Based on Stebbin's classification, the karyotype formulas and asymmetry were enumerated as follows: *Cirsium souliei* $2n=34$m, 1A; *Cousinia thomsonii* $2n=26=22$m$+4$sm, 2A; *Crepis minuta* $2n=14=10$m$+4$sm, 2A; *Ligularia liatroides* $2n=60=32$m$+28$sm, 2A; *Saussurea thomsonii* $2n=36=22$m$+14$sm, 2A; *Taraxacum tibetanum* $2n=16=10$m$+6$sm, 1A. The chromosome numbers and karyotypes of other two species reconfirmed previous reports.

Key words: Chromosome; Karyotype; Asteraceae; Qinghai-Tibet Plateau

青藏高原是地球系统独特的地理单元, 也是植物区系最为丰富的区域之一, 其维管植物种数约占中国的 1/2 以上 (15 000 种); 其中特有类群在 35% 以上。由于极端的自然环境条件, 如众多的高山流石滩和冰缘带, 对这些地区的植物考察和研究不够充分, 特别是高山植物染色体的研究有待加强。据初步统计, 约 55 科 212 属 739 种的被子植物具染色体资料, 且已知染色体的种类多集中于青藏高原东南部的横断山区 (Nie 等, 2005), 而青藏高原腹地被子植物染色体的研究相当少 (顾志建等, 1993; Meng 等, 2010)。

菊科是被子植物第一大科, 全世界约 1 600~

* 基金项目: 科技部科技基础性工作专项重点项目 (2007FY110100); 国家自然科学基金项目 (31270273, 41271058); 国家重点基础研究发展计划 (2010CB951704); 中国科学院生命科学领域基础前沿专项项目 (KSCX2-EW-J-24)
** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: yangyp@mail.kib.ac.cn
收稿日期: 2013-03-14, 2013-04-10 接受发表
作者简介: 孟 盈 (1973-) 女, 博士, 副研究员, 主要从事植物分子系统及细胞地理学研究。E-mail: mengying@mail.kib.ac.cn

1 700 属，24 000 余种。该科在青藏高原的植物区系中占据重要的地位，而青藏高原的隆升对其物种分化起到非常重要的作用（彭华，2001）。菊科在西藏分布有90余属500余种，其中很多类群为青藏高原特有。目前青藏高原菊科植物的染色体研究较多的类群有：亚菊属 *Ajania*（Kondo 等，1992）；香青属 *Anaphalis*（Meng 等，2010）；紫菀属 *Aster*（刘建全，1999）；垂头菊属 *Cremanthodium*（Liu 等，2001）；火绒草属 *Leontopodium*（Meng 等，2012）；橐吾属 *Ligularia*（Liu，2004；Pan 等，2004）；风毛菊属 *Saussurea*（王一峰等，2008；岳学坤等，2008；陈光富等，2013）；绢毛菊属 *Soroseris*（Zhang 等，2007）；合头菊属 *Syncalathium*（Zhang 等，2009）等。从现有资料来看，青藏高原菊科很多属还没有细胞学资料。本研究对采自青藏高原腹地的8种菊科植物（分别代表了8属）进行了染色体核型研究和分析，其中6种植物的染色体数目和核型为首次报道，第一次获得青藏高原4个属的染色体数据，为了解和揭示该地区菊科植物区系的染色体进化规律提供了新的证据。

1 材料与方法

本研究材料的种名、产地等信息见表1，凭证标本存放在昆明植物所标本馆内。以种子萌发取根尖，用 0.002 mol·L^{-1} 的8-羟基喹啉溶液在20～22 ℃预处理2～3 h，然后用卡诺Ⅰ（无水乙醇：冰醋酸=3∶1）在4 ℃下固定0.5 h。用1∶1的1NHCl和45%的冰醋酸混合液在60 ℃下解离30 s，1%的醋酸地衣红溶液染色2～3 h，常规方法压片，永久封片保存。

观察中期染色体数目及核型，每个个体至少统计5个细胞以上的数据。观察植物体细胞间期核、有丝分离前期染色体和中期染色体。染色体形态术语根据着丝点的位置来描述（Levan 等，1964）。中期核型按同源性进行配对，核型分析参考李懋学和陈瑞阳（1985）的标准；核型不对称性按 Stebbins（1971）的标准进行归类。为了更准确地衡量核型不对称性，还计算了 Paszko（2006）的核型不对称指数 AI 值。

2 结果与讨论

2.1 葵花大蓟 *Cirsium souliei*（Franch.）Mattf.

葵花大蓟隶属于蓟属，全世界约250～300种，我国有46种，其中23种为中国特有，西藏有7种。葵花大蓟主要分布于青藏高原及邻近地区，目前本属植物在青藏高原地区的细胞学研究还是空白。本研究中的材料采自西藏当雄，其体细胞染色体数目为 $2n=34$（图1：1，A，表2），全部由中部着丝粒染色体组成，染色体长度为1.76～2.42 μm，最长与最短染色体的比值为1.38，所有染色体的臂比值均小于2.00，AI 值为0.95，核型不对称性为 Stebbin's-1A type，本种染色体数目和核型为首次报道。

已报道的多数蓟属植物的染色体为 $2n=34$ 或68（Bures 等，2004；Ozcan 等，2008；Melahat 等，2011），鲜有 $2n=20$，24（Ownbey 等，1975；Dabydeen，1997）的报道。葵花大蓟的染色体数目与大多数种的染色体数目相同，染色体基数为 $x=17$，为二倍体。

2.2 绵刺头菊 *Cousinia thomsonii* C. B. Clarke

绵刺头菊为刺头菊属植物，全属约600种，我国11种，仅分布于新疆和西藏两地，本研究为首次报道该种的染色体数目和核型。其体细胞染色体核型公式为 $2n=26=22m+4sm$（图1：2，B，表2），染色体长度为1.98～3.41 μm，最长与最短染色体的比值为1.72，染色体的臂比值小于2.00的占85%，AI 值为2.06，核型不对称性为 Stebbin's-2A type。

表1 8种菊科植物的材料来源、凭证标本

Table 1 Locality, geographical position, altitude, and voucher number of the investigated species of Asteraceae

Taxa	Location	Position	Altitude/m	Vouchers
Cirsium souliei（Franch.）Mattf.	Dangxiong, Tibet	N30°34′, E91°07′	4 463	Yangyp-Q-0163
Cousinia thomsonii C. B. Clarke	Pulan, Tibet	N30°24′, E81°09′	4 420	Yangyp-Q-0014
Crepis minuta Kitamura	Geer, Tibet	N31°55′, E80°08′	4 345	Yangyp-Q-0120
Lactuca tatarica C. A. Mey.	Ritu, Tibet	N33°28′, E79°50′	4 123	Yangyp-Q-0084
Ligularia liatroides（C. Winkl.）Hand.-Mazz.	Dangxiong, Tibet	N30°29′, E91°10′	4 283	Yangyp-Q-0173
Saussurea thomsonii C. B. Clarke	Naqu, Tibet	N31°08′, E92°14′	4 570	Yangyp-Q-0198
Soroseris glomerata（Decne.）Stebb.	Naqu, Tibet	N31°08′, E92°14′	4 570	Yangyp-Q-0197
Taraxacum tibetanum Hand.-Mazz.	Dangxiong, Tibet	N30°49′, E91°08′	4 653	Yangyp-Q-1015

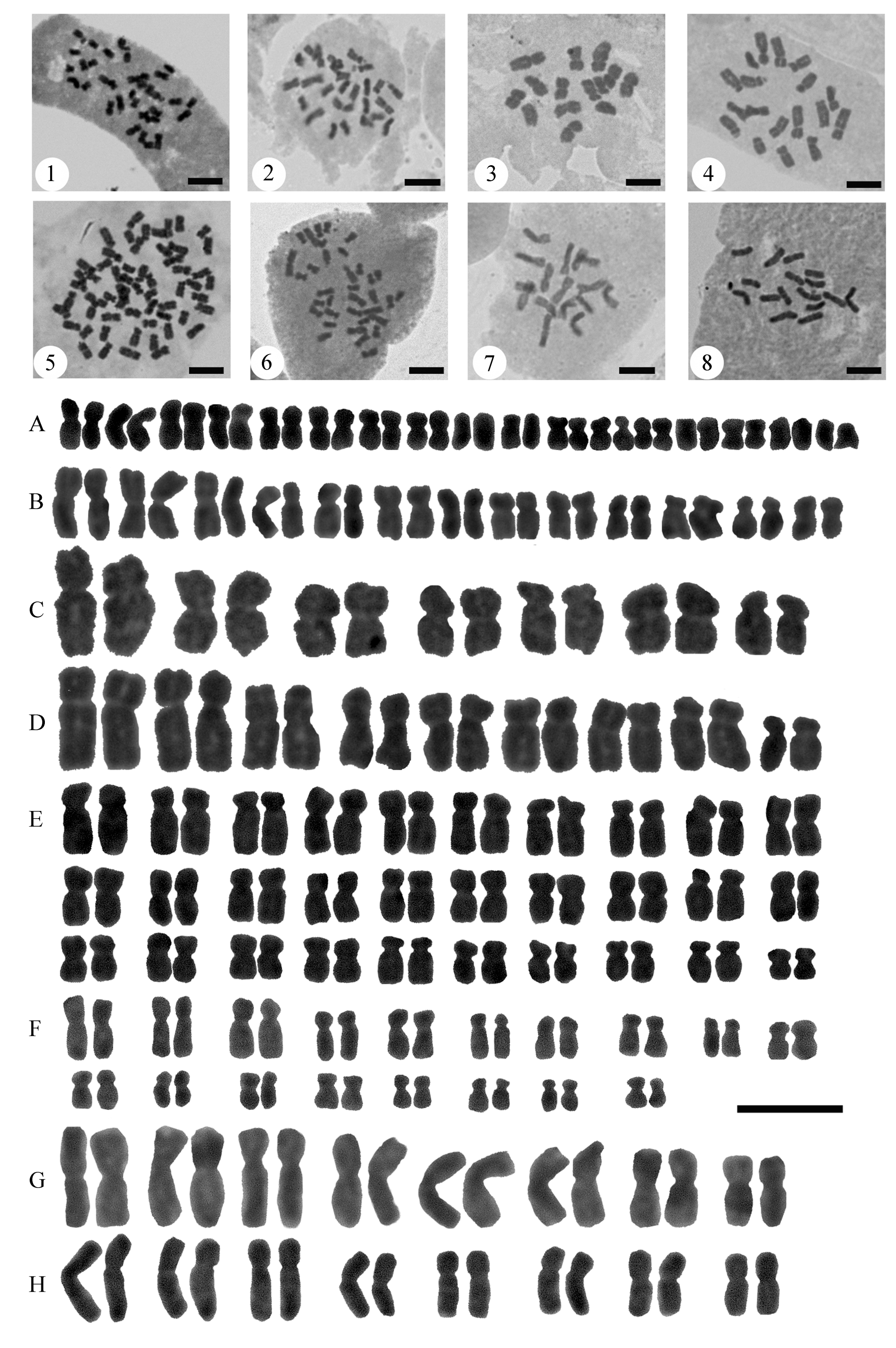


图1　1～8. 八种菊科植物的中期有丝分裂细胞图

A-H. 八种菊科植物的染色体核型图：1, A：葵花大蓟；2, B：绵刺头菊；3, C：小还阳参；4, D：乳苣；5, E：缘毛橐吾；6, F：肉叶雪兔子；7, G：团花绢毛菊；8, H：西藏蒲公英。标尺 = 5 μm

Fig. 1　1-8. Mitotic metaphase chromosomes and karyotypes of eight species of Asteraceae

1, A: *Cirsium souliei*; 2, B: *Cousinia thomsonii*; 3, C: *Crepis minuta*; 4, D: *Lactuca tatarica*; 5, E: *Ligularia liatroides*; 6, F: *Saussurea thomsonii*; 7, G: *Soroseris glomerata*; 8, H: *Taraxacum tibetanum*. Scale bar = 5 μm

国外对本属植物染色体方面的研究比较多，研究表明本属植物有5种染色体基数（$x=9$，10，11，12和13），其中$x=13$是最常见的基数，并推测其它染色体基数是由$x=13$非整倍性减少而来的（Garcia-Jacas等，2002；Susanna等，2003；Ghaffari等，2006；Djavadi和Attar，2010）。本研究中分布于我国西藏的绵刺头菊染色体基数是$x=13$，为二倍体。

2.3 小还阳参 *Crepis minuta* Kitamura

小还阳参为还阳参属植物，该属约200种，我国18种，其中5种为中国特有。其体细胞染色体核型公式为$2n=14=10m+4sm$（图1：3，C，表2），染色体长度为2.86～5.17 μm，最长与最短染色体的比值为1.81，染色体的臂比值小于2.00的占64%，AI值为3.63，核型不对称性为Stebbin's-2A type。本属的染色体基数有$x=7$，6，5，4，3（Dimitrova和Greilhuber，2000），本研究中小还阳参与顾志建等（1993）研究中来自同一地区的弯茎还阳参的染色体基数一致（$x=7$），为二倍体，为首次报道该种的染色体数目和核型。

2.4 乳苣 *Lactuca tatarica* C. A. Mey.

乳苣为莴苣属植物，约50～70种，我国有12种，目前还没有青藏高原本属植物细胞学方面的报道。乳苣染色体核型公式为$2n=18=6m+12sm$（图1：4，D，表2），染色体基数为$x=9$，为二倍体。染色体长度为2.53～3.75 μm，最长与最短染色体的比值为1.48，染色体的臂比值小于2.00的占61%，AI值为2.56，核型不对称性为Stebbin's-2A type。本报道与Lavrenko和Serditov（1991）的研究结果一致，其染色体基数均为$x=9$，与来自四川的同属其它种植物的基数一致（袁庆军和杨昌煦，2002）。

2.5 缘毛橐吾 *Ligularia liatroides*（C. Winkl.）Hand.-Mazz.

缘毛橐吾为橐吾属植物，全世界约129种，其中100余种分布于青藏高原，约60余种为中国特有。缘毛橐吾的染色体核型公式为$2n=60=32m+28sm$（图1：5，E，表2），染色体长度为1.43～3.30 μm，最长与最短染色体的比值为2.31，染色体的臂比值小于2.00的占67%，AI值为3.08，核型不对称性为Stebbin's-2B type。

表2 八种菊科植物染色体参数

Table 2 Karyotype formula and characteristics of the studied Asteraceae taxa

Taxa	SC	LC	LC/SC	L±SD	S±SD	CL±SD	CI±SD	<2:1	KA	AI	Karyotype formula	Figs
* *Cirsium souliei*（Franch.）Mattf.	1.76	2.42	1.38	1.19±0.14	0.88±0.13	2.07±0.23	42.50±3.70	1.00	1A	0.95	34m	1, A
* *Cousinia thomsonii* C. B. Clarke	1.98	3.41	1.72	1.47±0.27	1.00±0.25	2.48±0.48	40.26±4.32	0.85	2A	2.06	22m+4sm	2, B
* *Crepis minuta* Kitamura	2.86	5.17	1.81	2.19±0.48	1.42±0.38	3.61±0.67	39.25±7.74	0.64	2A	3.63	10m+4sm	3, C
Lactuca tatarica C. A. Mey.	2.53	4.84	1.91	2.37±0.49	0.88±0.31	3.75±0.68	36.69±5.15	0.61	2A	2.56	6m+12sm	4, D
* *Ligularia liatroides*（C. Winkl.）Hand.-Mazz	1.43	3.30	2.31	1.54±0.34	0.94±0.21	2.47±0.42	38.09±6.88	0.67	2B	3.08	32m+28sm	5, E
* *Saussurea thomsonii* C. B. Clarke	1.32	3.08	2.33	1.24±0.30	0.72±0.20	1.97±0.47	36.75±4.35	0.72	2B	2.84	22m+14sm	6, F
Soroseris glomerata（Decne.）Stebb.	3.30	4.73	1.43	2.39±0.34	1.77±0.29	4.16±0.52	42.63±3.95	1.00	1A	1.16	16m	7, G
* *Taraxacum tibetanum* Hand.-Mazz.	2.86	4.18	1.46	2.05±0.39	1.32±0.18	3.37±0.49	39.46±4.37	1.00	1A	1.62	10m+6sm	8, H

SC. 最短染色体长度；LC. 最长染色体长度；L. 长臂的平均长度；S. 短臂的平均长度；CL. 染色体组总长度；CI. 平均着丝点指数；SD. 标准差；AI. 不对称指数（Paszko，2006）；KA. 核型类型；m. 中部着丝点；sm. 近中部着丝点；*. 为首次报道

SC. the shortest chromosome length（μm）; LC. the longest chromosome length（μm）; LC/SC. proportion of the longest chromosome length to-the shortest chromosome length; L. mean length of long arm（μm）; S. mean length of short arm（μm）; CL. mean length of chromosome（μm）; CI. mean centromeric index; SD. standard deviation; AI. asymmetry induce according to Paszko（2006）; KA. Stebbin's asymmetry karyotype; m. metacentric, sm. submetacentric, *. new reports

青藏高原橐吾属的染色体已有较为系统的研究（Liu，2004；潘跃芝等，2004）。Liu（2004）认为橐吾属的染色体基数为 $x=29$，$x=30$ 是由非整倍化增加所致，本属植物中多倍体极少，染色体进化主要表现在二倍体水平上的结构变异。本研究中缘毛橐吾的染色体基数为 $x=30$，为二倍体，为首次报道该种的染色体数目和核型。

2.6　肉叶雪兔子 *Saussurea thomsonii* C. B. Clarke

肉叶雪兔子为风毛菊属植物。本属约有 400 种，我国约有 300 种。肉叶雪兔子的染色体核型公式为 $2n=36=22m+14sm$（图 1：6，F，表 2），染色体长度为 1.32～3.08 μm，最长与最短染色体的比值为 2.33，染色体的臂比值小于 2.00 的占 72%，AI 值为 2.84，核型不对称性为 Stebbin's-2B type。

对于风毛菊属染色体研究比较多（Garcia-Jacas 等，2002；Fujikawa 和 Ohba，2003；王一峰等，2008；岳学坤等，2008；陈光富等，2013）。上述资料研究表明：风毛菊属的染色体数目变化比较大，从 $2n=24$，26，28～78 不等，表现为非整倍性变化（Fujikawa 和 Ohba，2003）。分布于青藏高原的种染色体以 $2n=28$，30，32，34 为主（王一峰等，2008；岳学坤等，2008；陈光富等，2013），本研究中首次发现青藏高原本属植物中染色体数目为 $2n=36$。为首次报道该种的染色体数目和核型。本研究中肉叶雪兔子的染色体数目与 Fujikawa 和 Ohba（2003）研究中采自尼泊尔的几个种如：*S. gossipiphora*，*S. laminamaensis*，*S. nishiokae*，*S. tridactyla* 和 *S. bhutkesh* 一致，染色体基数为 $x=18$。

2.7　团花绢毛菊 *Soroseris glomerata*（Dence.）Stebb.

团花绢毛菊为绢毛菊属植物，为青藏高原及附近地区特有的一个小属，共有 7 种。团花绢毛菊染色体数目为 $2n=16$（图 1：7，G，表 2），均为中部着丝粒染色体组成。染色体长度为 3.30～4.73 μm，最长与最短染色体的比值为 1.43，染色体臂比值均大于 2.00，AI 值为 1.16，核型不对称性为 Stebbin's-1A type。除核型公式不同以外，本研究结果与 Zhang 等（2007）采自同一地区的染色体数目和核型不对称性均一致，染色体基数为 $x=8$，为二倍体。

2.8　西藏蒲公英 *Taraxacum tibetanum* Hand.-Mazz.

西藏蒲公英为蒲公英属植物。本属约 300 余种，中国约有 70 余种，青藏高原-横断山区是本属植物的分化中心之一，但目前还没有来自青藏高原对本属植物的染色体报道。其体细胞染色体核型公式为 $2n=16=10m+6sm$（图 1：8，H，表 2），染色体长度为 2.86～4.18 μm，最长与最短染色体的比值为 1.46，染色体臂比值均大于 2.00，AI 值为 1.62，核型不对称性为 Stebbin's-1A type。本研究为首次报道西藏蒲公英染色体数目和核型。

对于其它地区蒲公英属的染色体报道比较多（Sato 等，2007a，b，2011，2012；宁伟等，2012），这些研究结果表明蒲公英属的染色体基数为 $x=8$，以二倍体和三倍体最为普遍。

致谢　感谢陈家辉和段元文在种子采集及标本鉴定中所做的工作；感谢张春玲所做的细胞学实验工作。

〔参　考　文　献〕

Bures P, Wang YF, Horova L *et al.*, 2004. Genome size variation in Central European species of *Cirsium* (Compositae) and their natural hybrids [J]. *Annals of Botany*, **94**: 353—363

Chen GF (陈光富), Ba LJ (巴罗菊), Sun WG (孙文光) *et al.*, 2013. Karyotypes and chromosome numbers of eight species from the family Asteraceae in the Hengduan Mountains and the adjacent regions [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **35** (3): 367—374

Dabydeen S, 1997. Natural hybridization in the genus *Cirsium*: *C. altissimum* × *C. discolor* cytological and morphological evidence [J]. *Rhodora*, **99**: 152—160

Dimitrova D, Greilhuber J, 2000. Karyotype and DNA-content evolution in ten species of *Crepis* (Asteraceae) distributed in Bulgaria [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **132**: 281—297

Djavadi SB, Attar F, 2010. New chromosome counts in the genus *Cousinia* (Asteraceae, Cardueae) from Iran [J]. *Willdenowia*, **40**: 351—357

Fujikawa K, Ohba H, 2003. A cytological study of *Saussurea* subgenus *Eriocoryne* (Asteraceae) from the Nepal Himalaya [J]. *Journal of Japanese Botany*, **78**: 135—144

Garcia-Jacas N, Garnatje T, Susanna A *et al.*, 2002. Tribal and subtribal delimitation and phylogeny of the Cardueae (Asteraceae): A combined nuclear and chloroplast DNA analysis [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **22**: 51—64

Ghaffari SM, Garcia-Jacas N, Susanna A, 2006. New chromosome

counts in the genus *Cousinia* (Asteraceae) from Iran [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **151**: 411—419

Gu ZJ (顾志建), Wang L (王丽), Sun H (孙航) *et al.*, 1993. A cytological study of some plants from Qinghai-Xizang Plateau [J]. *Acta Botanica Yunnanica* (云南植物研究), **15**: 377—384

Kondo K, Tanaka R, Ge S *et al.*, 1992. Cytogenetic studies on wild *Chrysanthemum* sensu lato in China: IV. Karyomorphological characteristics of three species of *Ajania* [J]. *Journal of Japanese Botany*, **67**: 324—329

Lavrenko AN, Serditov NP, 1991. Chromosome numbers in some plant species from the south-west of the Komi ASSR [J]. *Botanical Žhurn* (Moscow & Leningrad), **76**: 769—771

Levan A, Fedga K, Sandberg AA, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. *Hereditas*, **52**: 201—220

Liu JQ (刘建全), 1999. Karomorphology characteristics of three *Aster* species from southern Qing Hai [J]. *Bulletin Botanical Research* (植物研究), **19**: 392—396

Li MX (李懋学), Chen RY (陈瑞阳), 1985. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants [J]. *Journal of Wuhan Botanical Research* (武汉植物学研究), **3** (4): 297—302

Liu JQ, 2004. Uniformity of karyotypes in *Ligularia* (Asteraceae: Senecioneae), a highly diversified genus of the eastern Qinghai-Tibet Plateau highlands and adjacent areas [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **144**: 329—342

Liu JQ, Liu SW, Ho TN *et al.*, 2001. Karyological studies on the Sino-Himalayan genus, *Cremanthodium* (Asteraceae: Senecioneae) [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **135**: 107—112

Melahat O, Hayirlioglu-Ayaz S, Inceer H, 2011. Chromosome reports in some *Cirsium* (Asteraceae, Cardueae) taxa from north-east Anatolia [J]. *Caryologia*, **64**: 55—66

Meng Y, Nie ZL, Sun H *et al.*, 2012. Chromosome numbers and polyploidy in *Leontopodium* (Asteraceae: Gnaphalieae) from the Qinghai-Tibet Plateau of SW China [J]. *Caryologia*, **65**: 87—93

Meng Y, Sun H, Yang YP *et al.*, 2010. Polyploidy and new chromosome counts in *Anaphalis* (Asteraceae: Gnaphalieae) from the Qinghai-Tibet Plateau of China [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **48**: 58—64

Nie ZL, Wen J, Gu ZJ *et al.*, 2005. Polyploidy in the flora of the Hengduan Mountains hotspot, southwestern China [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, **92**: 275—306

Ning W (宁伟), Wu J (吴杰), Zhao T (赵婷) *et al.*, 2012. Karyomorphology research in seven kinds of dandelion in Northeast [J]. *China Journal of Chinese Materia Medica* (中国中药杂志), **37**: 771—776

Ownbey GB, Raven PH, Kyhos DW, 1975. Chromosome numbers in some North American species of the genus *Cirsium*. III. Western United States, Mexico, and Guatemala [J]. *Brittonia*, **27**: 297—304

Ozcan M, Hayirlioglu-Ayaz S, Inceer H, 2008. Chromosome counts of some *Cirsium* (Asteraceae, Cardueae) taxa from Turkey [J]. *Caryologia*, **61**: 375—382

Pan YZ (潘跃芝), Gong X (龚洵), Yang ZY (杨志云) *et al.*, 2004. Karyological studies on five species of the genus *Ligularia* (Compositae: Senecioneae) [J]. *Acta Botanica Yunnanica* (云南植物研究), **26**: 65—72

Paszko B, 2006. A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices [J]. *Plant Systematics and Evolution*, **258**: 39—48

Peng H (彭华), 2001. The analysis of the flora of Compositae in China, the lift of Qinghai-Tibet Plateau & the distribution of some taxa of the subfamily Cichorioideae [J]. *Journal of Yunnan Unversity* (云南大学学报), **23**: 11—15

Sato K, Iwatsubo Y, Naruhashi N, 2007a. Chromosome studies of native lowland diploid species of *Taraxacum* (Asteraceae) in Japan [J]. *Cytologia* (Tokyo), **72**: 309—317

Sato K, Iwatsubo Y, Watanabe M *et al.*, 2007b. Cytogenetic study of Japanese triploid *Taraxacum officinale* (Common Dandelion: Asteraceae) [J]. *Cytologia* (Tokyo), **72**: 475—482

Sato K, Yamazaki T, Iwatsubo Y, 2011. Cytogeography of *Taraxacum albidum* (Asteraceae) in Japan [J]. *Cytologia*, **76**: 201—212

Sato K, Yamazaki T, Iwatsubo Y, 2012. Karyotypes of *Taraxacum laevigatum* (Asteraceae) in Japan [J]. *Cytologia*, **77**: 211—214

Stebbins GL, 1971. *Chromosomal Evolution in Higher Plants* [M]. London: Edward Arnold Ltd

Susanna A, Garcia-Jacas N, Vilatersana R *et al.*, 2003. New chromosome counts in the genus *Cousinia* and the related genus *Schmalhausenia* (Asteraceae, Cardueae) [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **143**: 411—418

Wang YF (王一峰), Wang ZL (王转莉), Gong HD (巩红冬) *et al.*, 2008. Karyotypic studies on 5 species of Subgen. *Amphilaena* and Subgen. *Saussurea* in *Saussurea* from the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. *Journal of Sichuan University* (Natural Science Edition) (四川大学学报: 自然科学版), **45** (5): 165—170

Yuan QJ (袁庆军), Yang CX (杨昌煦), 2002. Karyotypes of 10 species of *Lactuca* and its allied genera in Sichuan [J]. *Journal of Southwest Agricultural University* (西南农业大学学报), **24**: 30—33

Yue XK (岳学坤), Cai JH (蔡金红), Li ZM (李志敏) *et al.*, 2008. Karyomorphology of the three species of *Saussurea* (Asteraceae) from Hengduan Mountians and the adjacent areas [J]. *Acta Botanica Yunnanica* (云南植物研究), **30**: 433—436

Zhang JW, Nie ZL, Sun H, 2009. Cytological study on the genus *Syncalathium* (Asteraceae-Lactuceae), an endemic taxon to alpine scree of the Sino-Himalayas [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **47**: 226—230

Zhang JW, Sun H, Nie ZL, 2007. Karyological studies on the Sino-Himalayan endemic *Soroseris* and two related genera of tribe Lactuceae (Asteraceae) [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **154**: 79—87